

	11	20	29	38	47	56
5'	ACG NGA ATG GCC TTC CCG CGC CCC AAG AAG AAC CTG CCC CAG CCC AAG NAG GCT	M A F P R P K K N L P Q P K X A				
	65	74	83	92	101	110
	GCC ACA GAG GGC CCC AGT GCT GCC TCT GGT GTG CCC CAG ACG GGA CCT GGC AGG	A T E G P S A A S G V P Q T G P G R				
	119	128	137	146	155	164
	GAG GTG GCA GCC ACC CGG CCC AAG ACC ACC AAG TCG GGG AAG GCG CTG GCC AAG	E V A A T R P K T T K S G K A L A K				
	173	182	191	200	209	218
	ACT CGG TGG GTG GAG CCT CAG AAT GTT GTG GCA GCA GCT GCT GCC AAG GCC AAG	T R W V E P Q N V V A A A A A K A K K				
	227	236	245	254	263	272
	ATG GCC ACG AGC ATC CCT GAG CCG GAG GGT GCA GCT GCT GCC ACT GCT CAG CAC	M A T S I P E P E G A A A A T A Q H				
	281	290	299	308	317	326
	AGT GCT GAG CCC TGG GCC AGG ATG GGA GGC AAG AGG ACC AAG AAG TCC AAG CAC	S A E P W A R M G G K R T K K S K H				
	335	344	353	362	371	380
	CTG GAT GAT GAG TAT GAG AGC AGC GAG GAG GAG AGA GAG ACT CCC GCG GTC CCA	L D D E Y E S S E E E R E T P A V P				
	389	398	407	416	425	434
	CCC ACC TGG AGA GCA TCA CAG CCC TCA TTG ACG GTG CGG GCT CAG TTG GCC CCT	P T W R A S Q P S L T V R A Q L A P				
	443	452	461	470	479	488
	CGG CCC CCG ATG GCC CCG AGG TCC CAG ATA CCC TCA AGG CAC GTA CTG TGC CTG	R P P M A P R S Q I P S R H V L C L				
	497	506	515	524	533	542
	CCC CCC CGC AAC GTG ACC CTT CTG CAG GAG AGG GCA AAT AAG TTG GTG AAA TAC	P P R N V T L L Q E R A N K L V K Y				
	551	560	569	578	587	596
	CTG ATG ATT AAG GAC TAC AAG AAG ATC CCC ATC AAG CGC GCA GAC ATG CTG AAG	L M I K D Y K K I P I K R A D M L K				

FIGURE 1A

605	614	623	632	641	650
GAT GTC ATC AGA GAA TAT GAT GAA CAT TTC CCT GAG ATC ATT GAA CGA GCA ACG	D V I R E Y D E H F P E I I E R A T				
659	668	677	686	695	704
TAC ACC CTG GAA AAG AAG TTT GGG ATC CAC CTG AAG GAG ATC GAC AAG GAA GAA	Y T L E K K F G I H L K E I D K E E				
713	722	731	740	749	758
CAC CTG TAT ATT CTT GTC TGC ACA CGG GAC TCC TCA GCT CGC CTC CTT GGA AAA	H L Y I L V C T R D S S A R L L G K				
767	776	785	794	803	812
ACC AAG GAC ACT CCC AGG CTG AGT CTC CTC TTG GTG ATT CTG GGC GTC ATC TTC	T K D T P R L S L L V I L G V I F				
821	830	839	848	857	866
ATG AAT GGC AAC CGT GCC AGC GAG GCT GTC CTC TGG GAG GCA CTA CGC AAG ATG	M N G N R A S E A V L W E A L R K M				
875	884	893	902	911	920
GGA CTG CGT CCT GGG GTG AGA CAT CCC CTC CTT GGA GAT CTA AGG AAA CTT CTC	G L R P G V R H P L L G D L R K L L				
929	938	947	956	965	974
ACC TAT GAG TTT GTA AAG CAG AAA TAC CTG GAC TAC AGA CGA GTG CCC AAC AGC	T Y E F V K Q K Y L D Y R R V P N S				
983	992	1001	1010	1019	1028
AAC CCC CCG GAG TAT GAG TTC CTC TGG GGC CTC CGT TCC TAC CAT GAG ACT AGC	N P P E Y E F L W G L R S Y H E T S				
1037	1046	1055	1064	1073	1082
AAG ATG AAA GTG CTG AGA TTC ATT GCA GAG GTT CAG AAA AGA GAC CCT CGT GAC	K M K V L R F I A E V Q K R D P R D				
1091	1100	1109	1118	1127	1136
TGG ACT GCA CAG TTC ATG GAG GCT GCA GAT GAG GCC TTG GAT GCT CTG GAT GCT	W T A Q F M E A A D E A L D A L D A				
1145	1154	1163	1172	1181	1190
GCT GCA GCT GAG GCC GAA GCC CGG GCT GAA GCA AGA ACC CGC ATG GGA ATT GGA	A A A E A E A R A E A R T R M G I G				
1199	1208	1217	1226	1235	1244
GAT GAG GCT GTG TCT GGG CCC GGA GCT GGG ATG ACÄ TTG AGT TTG AGC TGC TGA	D E A V S G P G A G M T L S L S C				

CCT 3'

FIGURE 1B

1	M	A	F	P	R	P	K	K	N	L	P	Q	P	K	X	A	A	T	E	G	P	S	A	A	S	G	V	P	Q	T	SEQ ID NO-1	
1	M	-	-	P	R	G	Q	K	S	K	L	R	A	R	E	K	R	R	K	A	R	E	T	Q	G	L	K	V	R	GI 608993		
1	M	-	-	P	R	A	P	K	R	Q	R	C	M	P	E	E	D	L	Q	S	Q	S	E	T	O	G	L	E	G	A	GI 533511	
1	M	-	-	F	S	W	K	A	S	K	A	R	S	P	L	S	P	R	Y	S	L	P	G	S	T	E	V	L	T	G	C	GI 1165170
1	M	-	-	S	E	Q	S	K	D	L	S	D	P	N	F	A	A	E	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	GI 1040691			
31	G	P	G	R	E	V	A	A	T	R	P	K	T	T	K	S	G	K	A	L	A	K	T	R	W	V	E	P	Q	N	SEQ ID NO-1	
29	H	A	T	A	A	E	K	E	E	C	P	S	S	S	P	V	L	G	D	T	P	T	S	S	P	A	A	G	-	GI 608993		
29	Q	A	P	L	A	V	E	E	D	A	S	S	S	T	S	T	S	S	S	F	P	S	S	F	P	S	S	S	S	GI 533511		
30	H	S	Y	P	S	R	F	L	S	A	S	S	F	T	S	A	L	S	T	V	N	M	P	R	G	Q	K	S	K	T	GI 1165170	
17	A	P	D	C	E	M	Q	D	S	D	A	V	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	V	G	GI 1040691	
61	V	V	A	A	A	A	A	K	A	K	M	A	T	S	I	P	E	G	A	A	A	T	A	O	H	S	A	SEQ ID NO-1				
57	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	P	GI 608993			
59	S	S	S	S	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	GI 533511			
60	R	S	R	A	K	R	Q	Q	S	R	R	E	V	P	V	V	Q	P	T	A	E	E	A	G	S	S	P	V	D	Q	GI 1165170	
32	I	P	P	P	A	S	L	A	A	N	L	A	G	P	P	C	A	P	E	G	P	M	A	A	Q	O	A	S	P	GI 1040691		
91	E	P	W	A	R	M	G	G	K	R	T	K	K	S	K	H	I	D	D	E	Y	E	S	S	E	E	E	R	E	T	SEQ ID NO-1	
67	T	T	T	A	A	A	A	V	S	C	T	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	GI 608993			
82	N	P	P	Q	S	A	Q	I	A	C	S	S	P	S	V	V	A	S	L	P	L	D	Q	S	-	-	-	-	GI 533511			
90	S	A	G	S	S	F	P	G	G	S	A	P	Q	G	V	K	T	P	G	S	F	G	A	G	V	S	-	-	GI 1165170			
61	P	P	E	E	R	I	E	D	V	-	-	D	P	K	I	L	Q	-	-	Q	A	A	E	E	G	R	-	GI 1040691				
121	P	A	V	P	P	T	W	R	A	S	Q	P	S	L	T	V	R	A	Q	L	A	P	R	P	P	M	A	P	R	S	SEQ ID NO-1	
80	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	GI 608993			
106	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	GI 533511				
116	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	GI 1165170				
83	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	GI 1040691			
151	Q	I	P	S	R	H	V	L	C	L	P	P	R	N	V	T	L	L	Q	E	R	A	N	K	L	V	K	Y	L	M	SEQ ID NO-1	
94	S	Q	A	T	T	S	T	E	S	S	V	K	D	P	V	-	-	-	-	A	W	E	A	G	M	L	M	H	F	I	L	GI 608993
120	L	Q	V	L	P	D	S	E	S	L	P	R	S	E	I	-	-	-	-	D	E	K	V	T	D	L	V	Q	F	L	L	GI 533511
138	T	O	A	G	T	S	I	Q	H	T	L	K	D	P	I	-	-	-	-	M	R	K	A	S	V	L	I	E	F	L	L	GI 1165170
92	P	I	P	A	-	-	-	-	-	-	P	P	A	A	Q	L	V	Q	K	A	H	E	L	M	W	Y	V	L	GI 1040691			
181	I	K	D	Y	K	K	I	P	I	K	R	A	D	M	L	K	D	V	I	R	E	Y	D	E	H	F	P	E	I	SEQ ID NO-1		
121	R	K	Y	K	M	R	E	P	I	M	K	A	D	M	L	K	V	V	D	E	K	Y	K	D	H	F	T	E	I	GI 608993		
147	F	K	Y	Q	M	K	E	P	I	T	K	A	E	I	L	E	S	V	I	K	N	Y	E	D	H	F	P	L	L	GI 533511		
165	D	K	F	K	M	K	E	A	V	T	R	S	E	M	L	A	V	V	N	K	K	Y	K	E	Q	F	P	E	I	L	GI 1165170	
115	V	K	D	Q	K	R	M	V	L	W	F	P	D	M	V	K	E	V	M	G	S	Y	K	K	W	C	R	S	I	GI 1040691		
211	E	R	A	T	Y	T	L	E	K	K	F	G	I	H	L	K	E	I	D	K	E	H	L	Y	I	L	V	C	T	SEQ ID NO-1		
151	N	G	A	S	R	R	L	E	L	V	F	G	L	D	L	K	E	D	N	P	S	S	H	T	Y	T	L	V	S	K	GI 608993	
177	S	E	A	S	E	C	M	L	L	V	F	G	I	D	V	K	E	V	D	P	T	G	H	S	F	V	L	V	T	S	GI 533511	
195	R	R	T	S	A	R	L	E	L	V	F	G	L	E	L	K	E	I	D	P	S	T	H	S	Y	L	L	V	G	K	GI 1165170	
145	R	R	T	S	V	I	L	A	R	V	F	G	L	H	L	R	L	T	N	L	H	T	M	E	F	A	L	V	-	GI 1040691		
241	R	D	S	S	A	R	L	L	G	K	T	K	D	T	P	R	L	S	-	-	L	L	V	I	L	G	V	I	SEQ ID NO-1			
181	L	N	L	T	N	D	-	-	G	N	L	S	N	D	W	D	F	P	R	N	G	L	L	M	P	L	L	G	V	I	GI 608993	
207	L	G	L	T	Y	D	-	-	G	M	L	S	D	V	Q	S	M	P	K	T	G	I	L	I	L	I	L	S	I	I	GI 533511	
225	L	G	L	S	T	E	-	-	G	S	L	S	S	N	W	G	L	P	R	T	G	L	L	M	S	V	L	G	V	I	GI 1165170	
173	K	A	L	S	P	E	E	L	D	R	V	A	L	N	N	R	M	P	M	T	G	L	L	M	I	L	S	L	I	GI 1040691		

FIGURE 2A

268	F M N G N R A S E A V L W E A L R K M G L R P G V R H P L L	SEQ ID NO-1
209	F L K G N S A T E E E I W K F M N V L G A Y D G E E H L I Y	GI 608993
235	F I E G Y C T P E E V I W E A L N M M G L Y D G M E H L I Y	GI 533511
253	F M K G N R A T E Q E V W Q F L H G V G V Y A G K K H L I F	GI 1165170
203	Y V K G R G A R E G A V W N V L R I L G L R P W K K H S T F	GI 1040691
298	G D L R K L L T Y E F V K Q K Y L D Y R R V P N S N P P E Y	SEQ ID NO-1
239	G E P R K F I T Q D L V Q E K Y L K Y E Q V P N S D P P R Y	GI 608993
265	G E P R K L L T Q D W V O E N Y L E Y R Q V P G S D P A R Y	GI 533511
283	G E P E E F I - R D V V R E N Y L E Y R Q V P G S D P P S Y	GI 1165170
233	G D V R K I I T E E F V Q Q N Y L K Y Q R V P H I E P P E Y	GI 1040691
328	E F L W G L R S Y H E T S K M K V L R F I A E V Q K R D P R	SEQ ID NO-1
269	Q F L W G P R A Y A E T T K M K V L E F L A K M N G A T P R	GI 608993
295	E F L W G P R A H A E I R K M S L L K F L A K V N G S D P R	GI 533511
312	E F L W G P R A H A E T T K M K V L E V L A K V N G T V P S	GI 1165170
263	E F F W G S R A N R E I T K M Q I M E F L A R V F K K D P Q	GI 1040691
358	D W T A Q F M E A A D E A L D A L D A A A A E E A E A R A E A	SEQ ID NO-1
299	D F P S H Y E E - - - - - A L R D E E E R A Q V R S S V	GI 608993
325	S F P L W Y E E - - - - - A L K D E E E R A Q D R I A T	GI 533511
342	A F P N L Y Q L - - - - - A L R D Q A - - - - - G G	GI 1165170
293	A W P S R Y R E A L E Q A - R A L R E A N L A A Q A P - - -	GI 1040691
388	R T R M G I G D E A V S G P G A G M T L S L S C	SEQ ID NO-1
322	R A R R R T T A T T F R A R S R A - P F S R S S H P M	GI 608993
348	T D D T T A M A S A - S S S A T G - S F S - - - Y P E	GI 533511
358	V P R R R V Q G K G V H S K A P - - - S Q K S S N M	GI 1165170
319	- - R S S V S E D	GI 1040691

FIGURE 2B

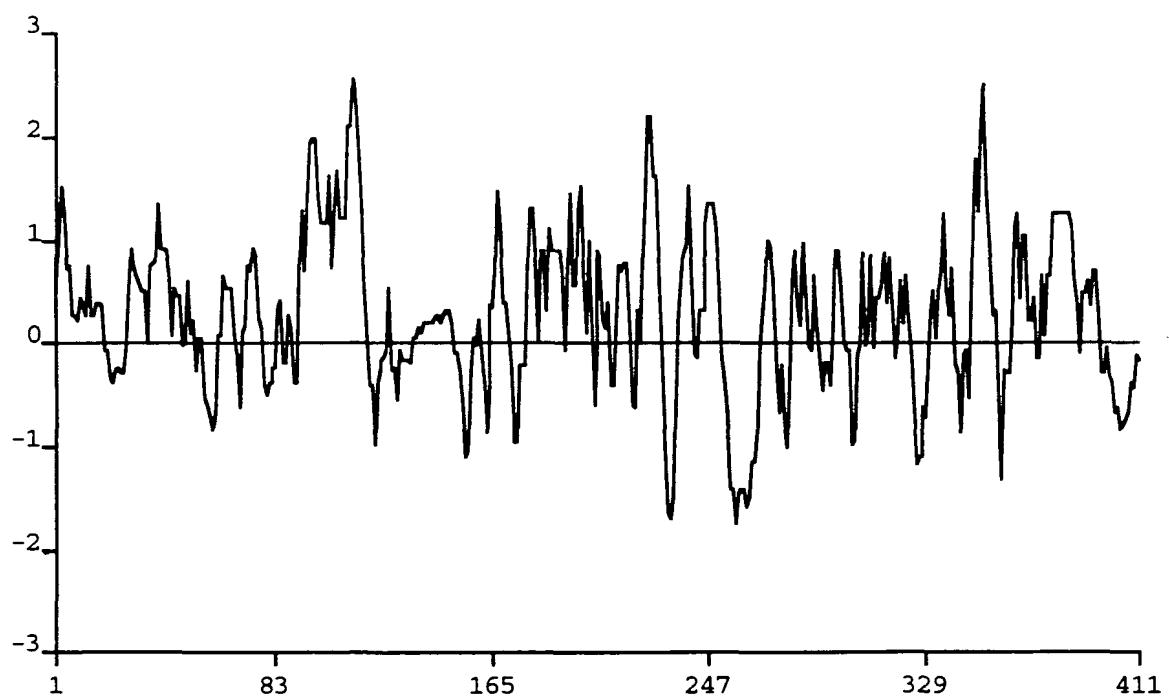


FIGURE 3

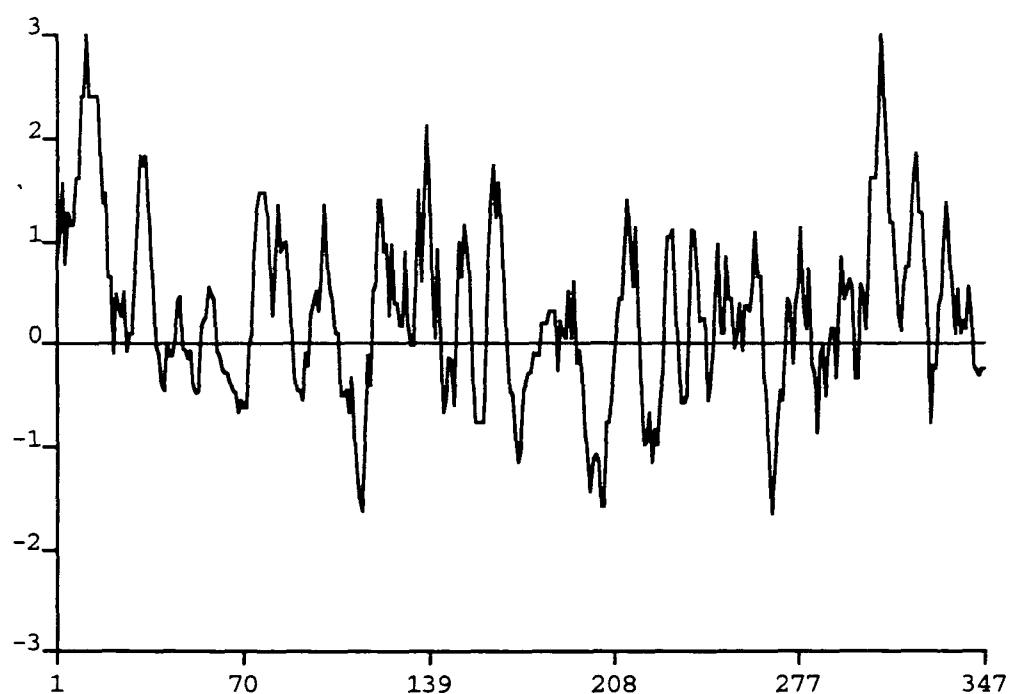


FIGURE 4